

IDENTIFICATION DE GÈNES DE *THEOBROMA CACAO* EXPRIMÉS DE FAÇON DIFFÉRENTIELLE PENDANT UNE INFECTION PAR *PHYTOPHTHORA*.

T. Legavre(1), M. Ducamp(2), X. Sabau(1), X. Argout(1), S. Surujdeo-Maharaj(3),
Mathilde Allegre(1) et C. Lanaud(1)

(1) INRAE UR1213 G4P, 4108/03 31308 Montpellier, France
(2) INRAE UR1213 G4P, 4108/03 31308 Montpellier, France
(3) CRIC University of the West Indies St. Augustine, Trinidad

RÉSUMÉ

La pourriture brune des cabosses, provoquée par plusieurs espèces de *Phytophthora*, est présente dans toutes les zones de production cacaoyère et constitue l'une des principales causes de perte de récolte de *T. cacao*. Les traitements chimiques contre cette maladie sont possibles mais ils sont contraignants, coûteux, polluants et ne s'intègrent pas dans un processus durable de gestion des plantations de cacao. La résistance du cacaoyer à *Phytophthora* est quantitative et polygénique. L'objectif de ce travail est de faire progresser notre connaissance des mécanismes moléculaires intervenant dans la résistance partielle du cacaoyer, de façon à développer des outils efficaces de sélection pour augmenter le degré de résistance des cacaoyers. Ces travaux visent à développer des approches génomiques fonctionnelles pour identifier les gènes candidats impliqués dans cette résistance. Des ressources de séquences exprimées ont été accumulées au cours des dernières années sur les interactions *T. cacao*/*P. palmivora*. Parmi celles-ci, des séquences correspondant aux gènes impliqués dans les réponses de stress biotique ont été sélectionnées et utilisées pour démarrer des études de génomique fonctionnelle. Une puce à ADN en lien avec les interactions cacaoyer/*Phytophthora* a été construite à partir d'une collection unigène de 3200 séquences de la plante, 50 séquences de *Phytophthora sp.* (base de données NCIS) et 20 séquences génériques pour la normalisation des puces. Des gènes exprimés de façon différentielle ont été observés dans le génotype résistant Scavina6 avant et après des inoculations de *P. palmivora* par des tests artificiels effectués sur les feuilles. Des échantillons des feuilles infectées ont été collectés 0, 1, 4, 8, 24, 48, 72 et 96 heures après l'inoculation. Des copies des gènes exprimées à chacun de ces moments ont été étiquetées et des hybridations de puce ADN ont été effectuées sur la plateforme Biopuces de Toulouse (<http://biopuces.genotoul.fr/>). Après les analyses des images, les données ont été analysées par le logiciel BioPlot/Bioclust accessible sur la plateforme. Près de 250 gènes surexprimés entre 3 et 20 fois dans les feuilles inoculées ont été identifiés. Parmi eux, 80 ont été spécifiquement induits 8 heures après l'inoculation tandis que 50 ont été induits 48 h après. Les autres gènes étaient répartis à différents horaires après l'inoculation. L'expression des gènes fortement induits ou associés avec les régions des QTL de résistance (communes à plusieurs génotypes et identifiées sur les chromosomes 1, 4 et 9) ont été confirmées par une RT-PCR quantitative.